



**UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DO SEMI-ÁRIDO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM FITOTECNIA
MESTRADO EM FITOTECNIA**

GEOVANNA ALICIA DANTAS GOMES

**DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE MELÃO PEPINO (*Cucumis melo* L. var
momordica) COM RESISTÊNCIA À RACHADURA, ELEVADO TEOR DE
CAROTENOIDES E QUALIDADE MORFOAGRONÔMICA**

MOSSORÓ

2026

GEOVANNA ALICIA DANTAS GOMES

DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE MELÃO PEPINO (*Cucumis melo* L. var *momordica*) COM RESISTÊNCIA À RACHADURA, ELEVADO TEOR DE CAROTENOIDES E QUALIDADE MORFOAGRONÔMICA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Mestre em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Vegetal

Orientador: Prof. Dr. Glauber Henrique de Sousa Nunes

Coorientadora: Prof. Dra. Edicleide Macedo da Silva

Coorientador: Dr. Adriano Ferreira Martins

MOSSORÓ

2026

©Todos os direitos estão reservados à Universidade Federal Rural do Semi-Árido. O conteúdo desta obra é de inteira responsabilidade do (a) autor (a), sendo o mesmo passível de sanções administrativas ou penais, caso sejam infringidas as leis que regulamentam a Propriedade Intelectual, respectivamente, Patentes: Lei nº 9.279/1996, e Direitos Autorais: Lei nº 9.610/1998. O conteúdo desta obra tornar-se-á de domínio público após a data de defesa e homologação da sua respectiva ata, exceto as pesquisas que estejam vinculadas ao processo de patenteamento. Esta investigação será base literária para novas pesquisas, desde que a obra e seu (a) respectivo (a) autor (a) seja devidamente citado e mencionado os seus créditos bibliográficos.

D
194 Dantas Gomes, Geovanna Alicia.

Desenvolvimento de linhagens de melão pepino (Cucumis melo L. var momordica) com resistência à rachadura, elevado teor de carotenoides e qualidade morfoagronômica. / Geovanna Alicia Dantas Gomes. - 2026.

47 f. : il.

Orientador: Glauber Henrique de Sousa Nunes.
Coorientador: Edicleide Macedo da Silva.

1. Cucumis melo. 2. Melhoramento genético. 3. Biofortificação. 4. Carotenoides. 5. Índices de seleção. I. de Sousa Nunes, Glauber Henrique, orient. II. Macedo da Silva, Edicleide, co-

Ficha catalográfica elaborada por sistema gerador automático em conformidade com AACR2 e os dados fornecidos pelo autor(a).

Biblioteca Campus Mossoró / Setor de Informação e Referência Bibliotecária: Keina Cristina Santos
Sousa e Silva
CRB: 15/120

O serviço de Geração Automática de Ficha Catalográfica para Trabalhos de Conclusão de Curso (TCC's) foi desenvolvido pelo Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação da Universidade de São Paulo (USP) e gentilmente cedido para o Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (SISBI-UFERSA), sendo customizado pela Superintendência de Tecnologia da Informação e Comunicação (SUTIC) sob orientação dos bibliotecários da instituição para ser adaptado às necessidades dos alunos dos Cursos de Graduação e Programas de Pós-Graduação da Universidade.

GEOVANNA ALICIA DANTAS GOMES

DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE MELÃO PEPINO (*Cucumis melo* L. var *momordica*) COM RESISTÊNCIA À RACHADURA, ELEVADO TEOR DE CAROTENOIDES E QUALIDADE MORFOAGRONÔMICA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia da Universidade Federal Rural do Semi-Árido como requisito para obtenção do título de Mestre em Fitotecnia.

Linha de Pesquisa: Melhoramento Vegetal

Defendida em: 13 / 02 / 2026.

BANCA EXAMINADORA



Documento assinado digitalmente
BERNARDO BEZERRA DE ARAUJO JUNIOR
Data: 23/02/2026 15:36:37-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. Bernardo Bezerra de Araújo
Júnior
(IFRN)
Membro Examinador

Profª. Dra. Edicleide Macedo da Silva
(UFERSA)
Presidente

Documento assinado digitalmente
 **ADRIANO FERREIRA MARTINS**
Data: 23/02/2026 16:03:25-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dra. Ingrid Pinheiro Machado
(Syngenta)
Membro Examinadora

Dr. Adriano Ferreira Martins
(UFERSA)
Membro Examinador

Prof. Dr. Stefeson Bezerra de Melo
(UFERSA)
Membro Examinador

*Dedico este trabalho à memória de **Renizi, Eudete e Francisca.***

Figuras centrais em minha formação, foram eles os responsáveis por me criarem com carinho e perseverança. A ausência física de meus avós e de minha tia é sentida diariamente, mas a herança moral e o apoio incondicional que recebi deles continuam sendo o alicerce fundamental de todas as minhas conquistas. Que este trabalho honre o legado de amor que deixaram em minha vida. (In Memoriam).

AGRADECIMENTOS

A Deus, por ser a base de tudo, pela força concedida nos momentos de dificuldade e por iluminar meu caminho até a conclusão desta etapa.

Aos meus pais, pelo amor incondicional e por serem o alicerce da minha vida. À minha prima Erika, que, mesmo com a distância física, sempre se fez presente com palavras de incentivo e apoio constante.

À minha filha, Maria Alice, por ser minha maior motivação, a razão do meu esforço diário e a luz que alegra meus dias. Ao meu namorado, Ramon Sampaio, pelo companheirismo, paciência e por caminhar ao meu lado em todas as horas.

Ao meu orientador, Prof. Glauber Henrique de Sousa Nunes, pela orientação segura, pela confiança depositada e por compartilhar seus conhecimentos tão fundamentais para a minha formação. Aos meus coorientadores, Edicleide e Adriano, pelas valiosas contribuições, correções e suporte técnico durante a execução deste trabalho.

Aos meus amigos da pós-graduação: David, Mara, Nynyve e Cesar. A amizade e o auxílio de vocês tornaram a jornada mais leve; os momentos de estudo e as trocas de experiências foram essenciais para que eu chegasse até aqui.

Ao grupo de Recursos Genéticos Vegetais (GERMEV), pela oportunidade de aprendizado e pelo ambiente de cooperação acadêmica que tanto enriqueceu minha pesquisa.

À Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA) e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia, pela infraestrutura e pela oportunidade de ingressar e me qualificar na área.

À Fundação Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos, permitindo minha dedicação exclusiva à pesquisa.

À Banca Examinadora, pelas valiosas sugestões e pelo tempo dedicado à avaliação e ao aprimoramento deste trabalho.

"E não nos cansemos de fazer o bem, pois no tempo próprio colheremos, se não desanimarmos."

(Gálatas 6:9)

RESUMO

O melão (*Cucumis melo* L.) apresenta ampla diversidade genética e elevada importância econômica, especialmente na região Nordeste do Brasil. O melão tipo pepino, pertencente à variedade botânica *momordica*, destaca-se pela rusticidade e expressiva variabilidade genética, entretanto ainda apresenta limitações quanto à qualidade comercial, como a ocorrência de rachaduras nos frutos e teores reduzidos de carotenoides, compostos de importância nutricional e antioxidante, os quais influenciam diretamente o valor funcional e a aceitação do fruto pelo consumidor. Nesse contexto, o melhoramento genético constitui estratégia fundamental para a obtenção de linhagens superiores que conciliem produtividade, qualidade física, valor nutricional e estabilidade fenotípica. O objetivo deste trabalho foi obter e avaliar linhagens de melão tipo pepino sem rachaduras e biofortificadas. O experimento foi conduzido em dois ambientes, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e 23 linhagens e seus genitores A-02 (*momordica*) e o híbrido comercial cantaloupe ‘Timeless Gold’. Foram avaliados floração parcial, peso médio do fruto, número de frutos por planta, índice de formato, espessura da polpa, firmeza da polpa, sólidos solúveis e teor de β -caroteno. As análises estatísticas foram realizadas por meio de modelos mistos (REML/BLUP), análises multivariadas e do índice de seleção MGIDI. Observou-se efeito significativo de genótipo para a maioria das características avaliadas ($p < 0,01$), bem como interação genótipo $\times$ ambiente significativa para seis dos oito caracteres analisados. As estimativas de herdabilidade variaram de moderadas a altas, com valores de 0,566 para teor de sólidos solúveis e 0,876 para firmeza da polpa, evidenciando elevado potencial de resposta à seleção. A análise multivariada permitiu explicar 82,4% da variância total nos quatro primeiros componentes principais, ao passo que a aplicação do índice MGIDI resultou em ganhos de seleção de até 43,5% para floração parcial e 34,3% para índice de formato, promovendo ganhos simultâneos para produtividade, qualidade física e qualidade nutricional. Conclui-se que as linhagens avaliadas apresentam ampla variabilidade genética e elevado potencial para uso em programas de melhoramento do melão tipo pepino, possibilitando a obtenção de genótipos com frutos sem rachaduras, melhor qualidade e maior valor nutricional.

Palavras-chave: *Cucumis melo*, Melhoramento genético, Biofortificação, Carotenoides. Índices de seleção.

ABSTRACT

Melon (*Cucumis melo* L.) has wide genetic diversity and high economic importance, especially in the Northeast region of Brazil. The cucumber-type melon, belonging to the botanical variety *momordica*, stands out for its rusticity and expressive genetic variability, but it still presents limitations regarding commercial quality, such as the occurrence of fruit cracking and low soluble solids content. In this context, plant breeding constitutes a fundamental strategy for obtaining superior lines that combine productivity, physical quality, nutritional value, and phenotypic stability. The objective of this study was to obtain and evaluate crack-free and biofortified cucumber-type melon lines. The experiment was conducted in two environments using a randomized complete block design, with three replications and 23 lines and their parents A-02 (*momordica*) and the commercial cantaloupe hybrid 'Timeless Gold'. The traits evaluated were average fruit weight, number of fruits per plant, shape index, flesh thickness, soluble solids content, β -carotene content, and partial flowering. Statistical analyses were performed using mixed models (REML/BLUP), multivariate analyses, and the MGIDI selection index. A significant genotypic effect was observed for most of the evaluated traits ($p < 0.01$), as well as a significant genotype $\times$ environment interaction for six of the eight traits analyzed. Heritability estimates ranged from moderate to high, with values of 0.566 for soluble solids content and 0.876 for flesh firmness, showing high potential for response to selection. Multivariate analysis explained 82.4% of the total variance in the first four principal components, while application of the MGIDI index resulted in selection gains of up to 43.5% for partial flowering and 34.3% for shape index, promoting simultaneous gains in yield, physical quality, and nutritional quality. It is concluded that the evaluated lines exhibit wide genetic variability and high potential for use in cucumber-type melon breeding programs, enabling the development of genotypes with crack-free fruits, improved quality, and higher nutritional value.

Keywords: *Cucumis melo*. Plant breeding. Biofortification. Carotenoids. Selection indices.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Aspecto visual dos frutos de melão pepino: (a) cultivar comercial Timeless Gold; (b) cultivar A-02; (c) linhagens provenientes do cruzamento dos genitores.	24
Figura 2. Fluxograma do processo de melhoramento genético do melão tipo pepino, a partir do cruzamento entre o híbrido comercial Timeless e o acesso AC-02, com avanço das gerações de F ₁ a F ₇ , seleção fenotípica de plantas e frutos com padrão de melão pepino, polpa salmão, alto teor de sólidos solúveis e ausência de rachaduras, culminando na avaliação de 23 linhagens promissoras em dois ambientes experimentais..	26
Figura 3. Gráfico em espiral mostrando as linhagens de melão pepino selecionadas.....	36
Figura 4. Variabilidade fenotípica de frutos de linhagens promissoras de melão tipo pepino selecionadas por meio do índice MGIDI.	37

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Deviance associadas ao teste de razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo (G) e da interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ A), obtidas por modelos mistos (REML/BLUP), em relação às características agronômicas avaliadas em linhagens de melão Pepino.	30
Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos estimados para oito características produtivas de linhagens de Melão Pepino, com base em modelos mistos (REML/BLUP).	31
Tabela 3. Autovalores, porcentagem de variância explicada e variância acumulada associada a cada componente principal (PC), obtidos a partir da análise multivariada dos caracteres produtivos avaliados em acessos de Melão Pepino. São apresentados os oito componentes principais (PC1 a PC8) e sua contribuição para a explicação da variabilidade total dos dados.	33
Tabela 4. Cargas fatoriais rotacionadas para os quatro fatores principais (FA1 a FA4), comunalidades e unicidades estimadas para os caracteres agronômicos avaliados em acessos de Melão Pepino, com base na análise fatorial aplicada aos valores preditos (BLUPs).	34
Tabela 5. Valores observados (X_o) e esperados (X_s) para os caracteres agronômicos em linhagens de Melão Pepino, associados aos fatores extraídos pela análise fatorial no método MGIDI. São apresentadas as diferenças de seleção (SD) e o ganho percentual previsto (SD%).	35

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

As	Acurácia seletiva
BLUP	<i>Best Linear Unbiased Prediction</i>
CAR	Carotenoides
CV	Coeficiente de variação
EP	Espessura da polpa
FAI-BLUP	Factor Analysis and Ideotype-Based BLUP
FLOP	Floração parcial
FP	Firmeza da polpa
$G \times A$	Interação genótipo $\times$ ambiente
h^2	Herdabilidade
IF	Índice de formato
LRT	<i>Likelihood Ratio Test</i>
MGIDI	<i>Multi-trait Genotype-Ideotype Distance Index</i>
NFP	Número de frutos por planta
PCA	<i>Principal Component Analysis</i>
PMF	Peso médio do fruto
REML	<i>Restricted Maximum Likelihood</i>
SS	Sólidos solúveis
UFERSA	Universidade Federal Rural do Semi-Árido

LISTA DE SÍMBOLOS

%	Porcentagem
$\times$	Interação genótipo $\times$ ambiente
$\geq$	Maior ou igual
$\leq$	Menor ou igual
σ^2_e	Variância ambiental
σ^2_g	Variância genética
σ^2_{ga}	Variância da interação genótipo $\times$ ambiente

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	14
2 REFERENCIAL TEÓRICO	16
2.1 ORIGEM, DIVERSIDADE BOTÂNICA, IMPORTÂNCIA E MELHORAMENTO GENÉTICO DO MELOEIRO.	16
2.2 MELÃO PEPINO (<i>CUCUMIS MELO VAR. MORMODICA</i>).....	17
2.3 RACHADURA DE FRUTOS EM MELOEIRO	18
2.4 BIOFORTIFICAÇÃO E CAROTENOIDES EM MELOEIRO	19
2.5 USO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS.....	21
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	23
3.1 LOCAL E PERÍODO DE CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO	23
3.2 MATERIAL GENÉTICO	23
3.3 OBTENÇÃO E AVANÇO DAS LINHAGENS	25
3.4 CONDUÇÃO EXPERIMENTAL.....	27
3.5 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS	27
3.6 DETERMINAÇÃO DO TEOR DE B-CAROTENO.....	28
3.7 ANÁLISES ESTATÍSTICAS	28
4 RESULTADOS	30
4.1 EFEITOS DE GENÓTIPO E DA INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE (TESTE LRT) .	30
4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES PRODUTIVOS E DE QUALIDADE.....	30
4.3 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DOS CARACTERES PRODUTIVOS	33
4.4 ANÁLISE FATORIAL DOS CARACTERES AGRONÔMICOS COM BASE NOS VALORES PREDITOS (BLUPS).....	34
4.5 SELEÇÃO DE LINHAGENS COM BASE NO ÍNDICE MGIDI	35
5 DISCUSSÃO	38
5.1 VARIABILIDADE GENÉTICA, INTERAÇÃO GENÓTIPO × AMBIENTE E PARÂMETROS GENÉTICOS.....	38
5.2 RELAÇÕES ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E DE QUALIDADE	39
5.3 SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES POR ÍNDICES MULTIVARIADOS	40
6 CONCLUSÕES.....	40
REFERÊNCIAS	44

1 INTRODUÇÃO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) destaca-se como uma das hortaliças-fruto de importância econômica em âmbito mundial, em virtude do seu elevado valor comercial e expressivo consumo *in natura*. No Brasil, a cultura apresenta relevância estratégica no agronegócio, com forte concentração da produção na região Nordeste, onde as condições edafoclimáticas, aliadas ao uso de sistemas irrigados, favorecem elevados níveis de produtividade. Nesse contexto, o cultivo do melão contribui significativamente para a geração de emprego, renda e dinamização da economia regional (Filgueira, 2013; IBGE, 2024; FAO, 2023).

Uma das características da cultura é sua elevada variabilidade genética, sendo subdividida em diferentes grupos botânicos, dentre eles a variedade *momordica*, popularmente conhecida como melão tipo pepino. Esse grupo caracteriza-se pela rusticidade, precocidade e ampla adaptação, porém apresenta limitações quanto à qualidade comercial dos frutos, destacando-se a ocorrência de rachaduras fisiológicas, ocasionando menor aceitação pelo mercado consumidor (Robinson; Decker-Walters, 1997; Dhillon *et al.*, 2012).

A rachadura dos frutos constitui importante entrave à comercialização do melão tipo pepino, por comprometer a aparência, a integridade estrutural e a vida pós-colheita, ocasionando perdas ao produtor. Esse distúrbio é frequentemente observado em genótipos pertencentes à variedade *momordica* e está associado a fatores genéticos, com expressão influenciada por condições ambientais e fatores pré-colheita, como irregularidade no regime hídrico, variações bruscas de temperatura, elevada umidade relativa do ar, desequilíbrio nutricional, especialmente deficiência de cálcio e excesso de nitrogênio, e estágio avançado de maturação dos frutos (EMBRAPA, 2010; Lester; Shewfelt, 1992).

O melhoramento genético constitui a principal estratégia para superar essas limitações, por meio da utilização de cruzamentos entre genitores contrastantes, visando à introgressão de características associadas à qualidade de frutos, produtividade e estabilidade (Allard, 1999; Falconer; Mackay, 1996). Nesse contexto, o uso de genótipos comerciais do grupo *cantaloupensis* como genitores doadores de pólen permite incrementar atributos de maior teor de sólidos solúveis, firmeza de polpa, espessura da polpa, o que melhora a aceitação comercial dos frutos (Nunes *et al.*, 2011; Melo *et al.*, 2017).

Além da melhoria da qualidade comercial, programas de melhoramento têm incorporado a biofortificação como critério de seleção, com ênfase no aumento do teor de

carotenoides, especialmente o β -caroteno, composto de reconhecida importância nutricional e funcional (Tzuri *et al.*, 2015; Tuan *et al.*, 2019). O β -caroteno, precursor da vitamina A, está diretamente relacionado à coloração alaranjada da polpa do melão, sendo também responsável por elevar o valor nutricional e funcional do fruto. Dessa forma, sua concentração constitui importante atributo de qualidade, agregando valor ao produto e ampliando seu potencial de mercado. Em melão, a concentração de carotenoides apresenta variabilidade genética e pode ser incrementada por meio da seleção (Silva *et al.*, 2022).

A seleção simultânea de múltiplos caracteres é frequentemente limitada pela existência de correlações entre variáveis e pela expressiva influência dos efeitos ambientais sobre a expressão fenotípica. Nesse contexto, a adoção de modelos mistos baseados em REML/BLUP, associados a índices de seleção multivariados, como o MGIDI, tem se mostrado uma estratégia eficiente para a identificação de genótipos superiores, por possibilitar estimativas mais precisas dos valores genéticos e promover ganhos genéticos equilibrados entre os caracteres de interesse (Resende, 2002; Olivoto; Nardino, 2021).

Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo obter e avaliar linhagens de melão tipo pepino oriundas do cruzamento entre o acesso AC-02, pertencente à variedade *momordica*, e o híbrido comercial 'Timeless Gold', do grupo *cantaloupensis*, visando à seleção de genótipos com frutos isentos de rachaduras, elevada qualidade morfoagronômica e física, bem como maior teor de β -caroteno.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 ORIGEM, DIVERSIDADE BOTÂNICA, IMPORTÂNCIA E MELHORAMENTO GENÉTICO DO MELOEIRO

O meloeiro (*Cucumis melo* L.) é uma espécie cultivada há milênios, cuja domesticação está associada a diferentes civilizações antigas. A definição de um centro único de origem permanece controversa, em virtude da elevada variabilidade morfológica e genética observada entre seus grupos botânicos. Evidências botânicas e moleculares sugerem que o gênero *Cucumis* possui origem africana, com posterior diversificação e domesticação do meloeiro em regiões da Ásia, especialmente no subcontinente indiano, sugerindo múltiplos eventos de domesticação ao longo da evolução da espécie (Robinson; Decker-Walters, 1997; Sebastian *et al.*, 2010). Essa ampla base genética resultou no surgimento de diferentes variedades botânicas e tipos comerciais atualmente explorados nos programas de melhoramento genético (Paris; Staub, 2013; Burger *et al.*, 2010).

Do ponto de vista taxonômico, o meloeiro pertence à família Cucurbitaceae, ordem Cucurbitales, gênero *Cucumis* e espécie *Cucumis melo* L., a qual engloba diversos grupos botânicos responsáveis pela expressiva variabilidade fenotípica observada na cultura (Kirkbride Júnior, 1993; Oliveira *et al.*, 2025). Morfologicamente, trata-se de planta dicotiledônea, herbácea, de hábito predominantemente rasteiro, podendo apresentar crescimento trepador na presença de suporte. Apresenta caule alongado e ramificado, folhas simples e alternadas, gavinhas simples e sistema radicular superficial. As flores são predominantemente andromonoicas, com presença de flores masculinas e hermafroditas na mesma planta, sendo a polinização realizada principalmente por insetos (Robinson; Decker-Walters, 1997). O fruto é classificado como baga carnosa e apresenta ampla variação no que diz respeito a formato, tamanho, coloração e características da casca e da polpa, reflexo dos processos históricos de domesticação, seleção e adaptação.

A notável diversidade fenotípica da espécie fundamenta tanto sua classificação botânica quanto o sucesso de programas de melhoramento. No século XIX, Charles Naudin organizou essa variabilidade com base em caracteres morfológicos, como forma do fruto, textura da casca e padrão de maturação, descrevendo variedades tradicionais, incluindo tipos popularmente conhecidos como “manga”, “picles” e o grupo *momordica* (Naudin, 1859). Atualmente, essa diversidade é consolidada em grupos botânicos, destacando-se *Inodorus* e *Cantalupensis* como os de maior relevância econômica (Pitrat *et al.*, 2008; Sebastian *et al.*,

2010).

Essa amplitude genética constitui o principal alicerce do melhoramento genético do meloeiro, permitindo a seleção de genótipos superiores adaptados a diferentes condições edafoclimáticas (Burger *et al.*, 2009). Estudos baseados na caracterização morfológica têm sido amplamente utilizados para estimar a divergência genética e subsidiar programas de melhoramento. Castro (2015), ao avaliar 38 acessos de *Cucumis melo* L. conservados em banco de germoplasma, identificou elevada variabilidade para caracteres morfoagronômicos, especialmente aqueles relacionados ao fruto, como formato, tamanho, espessura de polpa e teor de sólidos solúveis. A análise multivariada permitiu a formação de grupos geneticamente divergentes, evidenciando a eficiência dos descritores fenotípicos na identificação de genótipos com potencial de uso como genitores em cruzamentos estratégicos.

Castro (2015) destacou que a avaliação morfológica, por ser de fácil aplicação, baixo custo e diretamente relacionada às exigências do mercado consumidor, constitui ferramenta essencial especialmente nas fases iniciais de seleção e na organização de bancos de germoplasma. Além de orientar a escolha de genitores, essa abordagem contribui para a conservação e uso eficiente da variabilidade genética disponível.

No cenário atual, o meloeiro destaca-se como uma das hortaliças-fruto de maior relevância econômica no mundo, com expressiva participação no comércio internacional (FAO, 2023). No Brasil, a produção encontra-se fortemente concentrada na região Nordeste, favorecida por condições edafoclimáticas adequadas e ampla adoção de tecnologias de irrigação (IBGE, 2024; EMBRAPA, 2025). O estado do Rio Grande do Norte sobressai-se como principal produtor e exportador nacional, com produção aproximada de 505.212 toneladas em 2024, representando cerca de 62% da produção brasileira (IBGE, 2024). Além da relevância econômica, a cultura apresenta elevada importância social, em virtude da geração de emprego e renda em regiões semiáridas (Buainain; Garcia; Vieira Filho, 2014).

2.2 MELÃO PEPINO (*CUCUMIS MELO* VAR. *MORMODICA*)

Os melões da variedade *momordica*, conhecidos internacionalmente como *snap melon* e regionalmente como "melão-papoco", constituem um grupo tradicional com centro de diversidade no subcontinente indiano (Dhillon *et al.*, 2012). Sua principal característica é a ruptura espontânea da casca durante a maturação, fenômeno que dá origem ao nome popular no Nordeste brasileiro. Fenotipicamente, apresentam frutos de baixo teor de açúcares e aroma

intenso, sendo consumidos *in natura* com adoçantes ou cozidos quando imaturos (Valadares *et al.*, 2017).

No contexto da pesquisa potiguar, a dissertação de Dantas (2011), desenvolvida na Universidade Federal Rural do Semiárido (UFERSA), destaca a importância da caracterização desses acessos crioulos. O autor observou expressiva variabilidade morfológica e molecular em germoplasmas coletados na região, reforçando que esses materiais, embora não sigam os padrões comerciais de doçura, possuem alelos únicos para o melhoramento. Estudos evidenciam que o grupo *momordica* é uma fonte estratégica de genes de resistência a patógenos como *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* (Ferreira *et al.*, 2015) e *Podosphaera xanthii* (Yuste-Lisbona *et al.*, 2011), além de pragas como a mosca-minadora (*Liriomyza trifolii*) (Oliveira, 2017).

A integração desta variedade em programas de melhoramento fundamenta-se na exploração da heterose em híbridos F1 e na seleção de segregantes em gerações F2, estratégias cruciais para a introgressão de alelos de rusticidade em materiais de elite (Silva *et al.*, 2018; Moreira *et al.*, 2021). Nesse contexto, a manutenção de recursos genéticos em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), como os da Embrapa Semiárido e UFERSA, é indispensável à segurança biotecnológica da melonicultura brasileira, permitindo a resposta rápida a novos desafios fitossanitários e ao estresse abiótico (Dantas *et al.*, 2015; Amorim *et al.*, 2016).

2.3 RACHADURA DE FRUTOS EM MELOEIRO

A rachadura de frutos (*fruit cracking*) é um distúrbio fisiológico crítico que compromete a qualidade comercial e a vida útil do meloeiro (Al-Mulla *et al.*, 2011), manifestando-se pela ruptura da casca quando a pressão interna, decorrente do rápido acúmulo de água e solutos, ultrapassa o limite de elasticidade do pericarpo (Li *et al.*, 2015). Esse processo está associado ao desequilíbrio entre o crescimento dos tecidos internos e a capacidade de expansão da epiderme, sendo influenciado pela organização estrutural das paredes celulares (Santos *et al.*, 2023).

Fatores ambientais e nutricionais são determinantes na severidade do distúrbio. Flutuações hídricas bruscas e altas temperaturas aceleram o metabolismo do fruto, elevando a tensão mecânica na casca (Saure, 2014). Em estudos fenotípicos conduzidos com populações segregantes de melão, Loureiro *et al.* (2026) avaliaram a segregação da característica rachadura de fruto em gerações F₂ provenientes de cruzamentos entre genitores contrastantes

para o caráter, tendo classificado os indivíduos quanto à presença ou ausência de rachaduras no pericarpo, observando segregação discreta com formação de classes fenotípicas contrastantes. A análise da frequência das classes indicou padrão compatível com herança mendeliana simples, sugerindo a participação de um ou poucos genes de efeito majoritário no controle da característica.

Adicionalmente, o estudo evidenciou variação na intensidade de expressão do caráter entre ambientes e entre indivíduos de mesma classe fenotípica, sugerindo que, embora a presença ou ausência da rachadura possa apresentar segregação qualitativa, sua manifestação fenotípica é influenciada por fatores ambientais e possíveis interações epistáticas. Os autores ainda identificaram genótipos promissores com menor incidência de rachaduras e melhor integridade do pericarpo, destacando o potencial de utilização desses materiais em programas de melhoramento visando à obtenção de frutos com maior resistência estrutural.

Sob a perspectiva genética e evolutiva, Aragão *et al.* (2013) destacam que a rachadura é uma característica intrínseca e herdável em diversos acessos de germoplasma tradicional, sendo particularmente evidente no grupo momordica (melão-pepino), no qual a deiscência do fruto favorece a dispersão natural de sementes. Embora a presença ou ausência da rachadura possa apresentar segregação discreta em populações segregantes, evidências sugerem que sua expressão fenotípica é influenciada por múltiplos fatores genéticos e ambientais. Nesse contexto, a ampla variabilidade genética conservada nos bancos de germoplasma do Nordeste constitui base estratégica para a seleção de linhagens com maior resistência do pericarpo e melhor adaptação às oscilações hídricas do semiárido (Dantas *et al.*, 2015; Monforte *et al.*, 2004).

2.4 BIOFORTIFICAÇÃO E CAROTENOIDES EM MELOEIRO

A biofortificação consiste na elevação dos teores de micronutrientes e compostos bioativos nos alimentos por meio do melhoramento genético ou do manejo agrônômico (Bouis; Saltzman, 2017). No meloeiro, essa estratégia concentra-se principalmente no incremento de carotenoides, com destaque para o β -caroteno, precursor da vitamina A. Cultivares de polpa alaranjada, especialmente aquelas pertencentes aos grupos botânicos *Cantalupensis* e *Reticulatus*, apresentam elevados teores desse pigmento, configurando-se como materiais de alto potencial para a agregação de valor nutricional e a promoção da saúde humana (Lester; Eischen, 1996; Lester; Shewfelt, 1999; Silva *et al.*, 2022).

O β -caroteno constitui o principal carotenoide pró-vitâmico A presente em frutos e hortaliças, sendo convertido no organismo humano em retinol, forma biologicamente ativa da vitamina A. A deficiência desse micronutriente é reconhecida como problema de saúde pública pela *World Health Organization*, especialmente em populações vulneráveis e de baixa renda. No Brasil, o Ministério da Saúde mantém programas específicos de suplementação devido à persistência de inadequação nutricional em determinadas regiões, incluindo áreas do semiárido nordestino.

Considerando que o melão tipo pepino é cultivado predominantemente por agricultores familiares nessa região, a seleção de genótipos com maior teor de β -caroteno representa estratégia promissora de biofortificação alimentar. Além de agregar valor nutricional ao fruto, essa abordagem pode contribuir para a segurança alimentar local, alinhando-se a iniciativas de pesquisa e desenvolvimento visando à melhoria da qualidade nutricional de alimentos básicos.

No Brasil, pesquisas conduzidas pela Embrapa Agroindústria Tropical e pela UFRSA têm explorado a diversidade de pigmentos da polpa visando à identificação de genótipos promissores para biofortificação. Ferreira *et al.* (2016), ao avaliarem a variabilidade genética de acessos de melão quanto aos teores de carotenoides totais, observaram ampla variação entre os genótipos e identificaram correlação positiva significativa entre a intensidade da coloração alaranjada da polpa e a concentração desses pigmentos. No estudo, os autores utilizaram análises laboratoriais para quantificação de carotenoides e associaram os resultados a descritores visuais e parâmetros de cor, demonstrando que frutos com polpa mais intensamente alaranjada apresentaram maiores concentrações de carotenoides totais. Esses achados validaram o uso de descritores cromáticos como critério indireto e eficiente na seleção de genótipos com maior valor nutricional.

De forma complementar, Moreira *et al.* (2021), ao estimarem parâmetros genéticos em linhagens de meloeiro, verificaram alta herdabilidade para características relacionadas à coloração da polpa e forte correlação genética entre parâmetros colorimétricos e teor de β -caroteno. O estudo demonstrou que a seleção indireta baseada em medições instrumentais de cor pode promover ganhos genéticos consistentes para o aumento da concentração desse pigmento, reduzindo custos e tempo associados às análises químicas laboratoriais. Assim, os autores evidenciaram que avaliações colorimétricas constituem ferramenta prática e confiável para a seleção de genótipos superiores relativamente à qualidade nutricional do fruto.

2.5 USO DE ÍNDICES DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

Os índices de seleção são ferramentas que permitem a seleção simultânea de múltiplos caracteres, combinando informações fenotípicas e genéticas em uma única estatística (Hazel, 1943; Cruz *et al.*, 2012). Essa abordagem supera a seleção direta ao possibilitar o equilíbrio dos ganhos genéticos em caracteres correlacionados, otimizando o desenvolvimento de cultivares com desempenho agrônomo superior (Bernardo, 2020). Historicamente, métodos como o índice de Smith-Hazel e o de Pesek & Baker (1969) fundamentaram o uso de pesos econômicos e ganhos desejados, evoluindo posteriormente para abordagens que incorporam análises multivariadas, reduzindo a subjetividade na atribuição desses pesos (Jolliffe, 2002).

No melhoramento moderno, a eficácia dos índices de seleção foi ampliada pela integração com modelos mistos (REML/BLUP), os quais proporcionam maior exatidão à predição dos valores genéticos, especialmente em experimentos desbalanceados e conduzidos em múltiplos ambientes (Resende, 2002; Cruz *et al.*, 2012). No meloeiro, essa integração tem se mostrado particularmente eficiente na seleção conjunta de caracteres relacionados à produtividade, qualidade de fruto e estabilidade produtiva.

Nesse contexto, a aplicação de índices multivariados recentes tem ganhado destaque no melhoramento do meloeiro. Loureiro (2024), ao avaliar um conjunto de genótipos de *Cucumis melo* L. em diferentes ambientes de cultivo, empregou índices de seleção baseados em predições genotípicas obtidas via REML/BLUP, considerando simultaneamente caracteres produtivos e de qualidade de fruto. O estudo envolveu a análise conjunta de variáveis como produtividade, peso médio do fruto, firmeza de polpa e teor de sólidos solúveis, permitindo estimar ganhos genéticos simultâneos e identificar genótipos com desempenho agrônomo mais equilibrado.

Como resultado, foram selecionados genótipos promissores apresentando superioridade conjunta para produtividade e atributos de qualidade, evidenciando maior eficiência seletiva quando comparada à seleção baseada em caracteres isolados. O autor demonstrou que a abordagem multivariada reduziu perdas decorrentes de correlações desfavoráveis entre caracteres e proporcionou maior estabilidade de desempenho entre ambientes, reforçando a aplicabilidade de índices baseados em modelos mistos na identificação de materiais com potencial para recomendação comercial.

Dentre essas abordagens, o índice multivariado MGIDI, proposto por Olivoto e Nardino (2020), tem se destacado como ferramenta robusta para a seleção de genótipos superiores, ao integrar informações provenientes de modelos mistos (REML/BLUP) e

considerar simultaneamente o desempenho e a distância em relação ao ideótipo. Resultados obtidos por Loureiro (2024) reforçam a aplicabilidade do MGIDI no melhoramento do meloeiro, evidenciando sua eficiência na seleção de materiais com desempenho agrônômico equilibrado e potencial para recomendação comercial.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LOCAL E PERÍODO DE CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO

As avaliações foram conduzidas em dois ambientes distintos, ambos localizados na zona rural do estado do Rio Grande do Norte. O primeiro ambiente foi o Assentamento Angicos, situado no município de Mossoró, nas coordenadas 4,95812° S e 37,51706° O, que apresenta solo classificado como Neossolo Quartzarênico. Nesse local, o cultivo foi realizado no período de junho a setembro de 2025.

O segundo ambiente foi o Assentamento São Romão, localizado no município de Baraúna, nas coordenadas 4,92170° S e 37,44553° O, apresentando solo do tipo Cambissolo Eutrófico, com a condução do experimento entre julho e outubro de 2025.

Ambos os locais estão inseridos em região de clima do tipo BSh, segundo a classificação de Köppen, caracterizado como semiárido quente, com precipitações pluviométricas escassas e irregularmente distribuídas ao longo do ano (Alvares *et al.*, 2013).

3.2 MATERIAL GENÉTICO

O material genético utilizado neste estudo foi constituído por genitores contrastantes quanto aos atributos agronômicos, morfológicos e de qualidade de fruto, bem como por linhagens avançadas oriundas de seu cruzamento, desenvolvidas no âmbito de programa de melhoramento genético de melão. A escolha dos genitores visou à ampliação da variabilidade genética e à combinação de características complementares, envolvendo, de um lado, a rusticidade, precocidade e adaptação a condições de estresse; de outro, elevados padrões de produtividade e qualidade comercial. As linhagens obtidas (Figura 1c) foram conduzidas por sucessivas autofecundações e seleção fenotípica, seguindo os princípios do melhoramento genético clássico, de modo a alcançar maior grau de homozigose e possibilitar a avaliação consistente do desempenho genético em ambientes distintos.

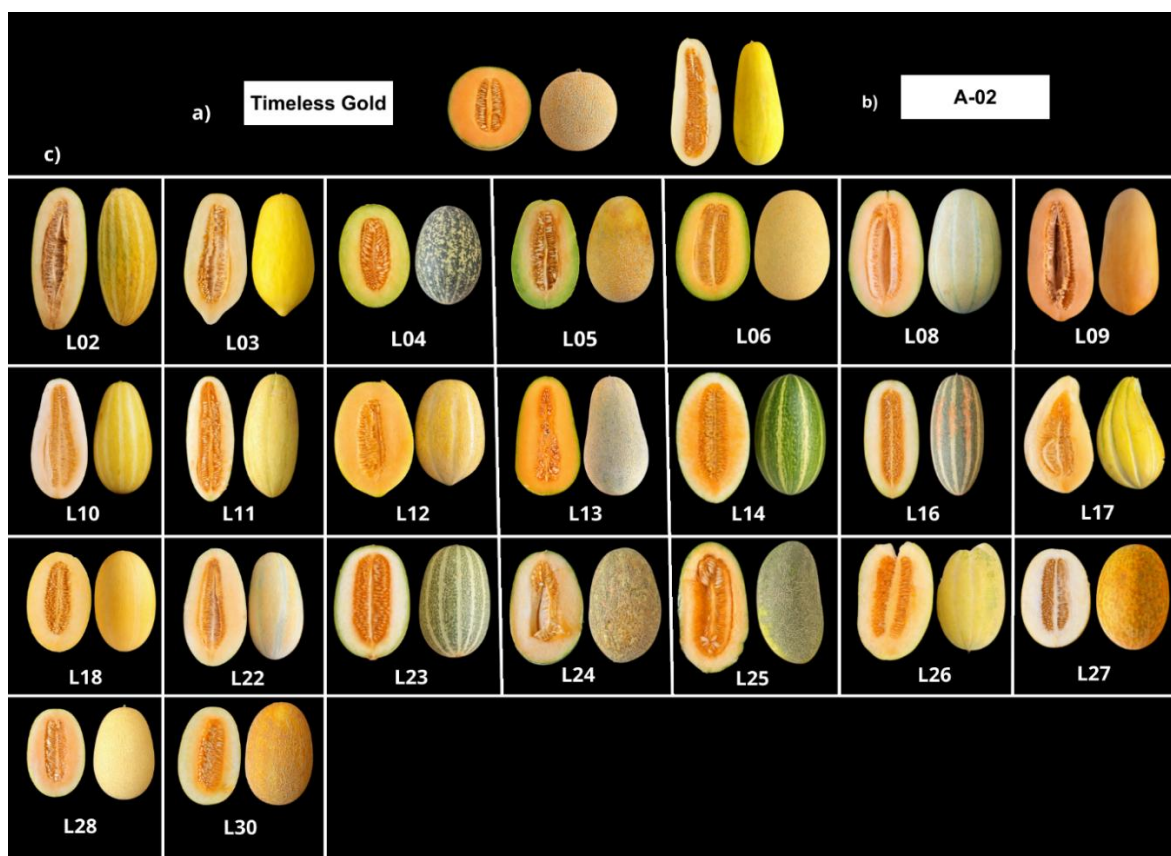


Figura 1. Aspecto visual dos frutos de melão pepino: (a) cultivar comercial Timeless Gold; (b) cultivar A-02; (c) linhagens provenientes do cruzamento dos genitores. Fonte: A autora (2025).

O receptor de pólen, o híbrido comercial ‘Timeless Gold’ (Figura 1a), pertencente ao grupo *cantaloupensis*, foi utilizado como genitor doador de pólen. Esse híbrido apresenta elevada produtividade, casca com rendilhamento completo, elevado teor de sólidos solúveis, superior a 10 °Brix, e longa vida pós-colheita, características que conferem ampla aceitação comercial e adaptabilidade a diferentes regiões de cultivo (Sakata, 2023; Smith *et al.*, 2021).

O doador de pólen, o acesso A-02 (Figura 1b), pertencente à variedade botânica *momordica* (Roxb.) Duthie & Fuller, foi utilizado como genitor receptor do pólen. Esse acesso apresenta ampla variabilidade morfofisiológica, com frutos alongados, exocarpo menos esclerificado e mesocarpo de coloração esbranquiçada. Caracteriza-se por baixo teor de sólidos solúveis, com valores inferiores a 6 °Brix, além da ocorrência natural de rachadura fisiológica dos frutos no ponto de maturação plena. Apesar das limitações relativas à qualidade comercial, o acesso A-02 destaca-se como importante fonte de variabilidade genética, sendo utilizado em programas de melhoramento devido à sua rusticidade, precocidade e potencial de introgressão de genes associados à adaptação a estresses bióticos e abióticos, conforme descrito por Ricarte (2016).

3.3 OBTENÇÃO E AVANÇO DAS LINHAGENS

As linhagens avaliadas neste estudo foram obtidas por meio do método genealógico (pedigree), a partir do cruzamento entre o híbrido comercial Timeless e o acesso AC-02, genitores contrastantes para características de interesse. Após a obtenção da geração F_1 , procedeu-se ao avanço das gerações segregantes por autofecundações sucessivas associadas à seleção fenotípica individual.

Na geração F_2 , aproximadamente 200 plantas foram avaliadas quanto a caracteres morfoagronômicos e qualitativos, selecionando-se indivíduos que apresentaram padrão de melão tipo pepino, polpa de coloração salmão, elevado teor de sólidos solúveis e ausência de rachaduras no fruto. As plantas selecionadas foram autofecundadas e conduzidas até a geração F_5 , mantendo-se a seleção individual em cada ciclo. O avanço das gerações F_6 e F_7 possibilitou a obtenção de 23 linhagens com maior grau de homozigose e desempenho agrônomo promissor, as quais foram posteriormente avaliadas em dois ambientes distintos (Figura 2).

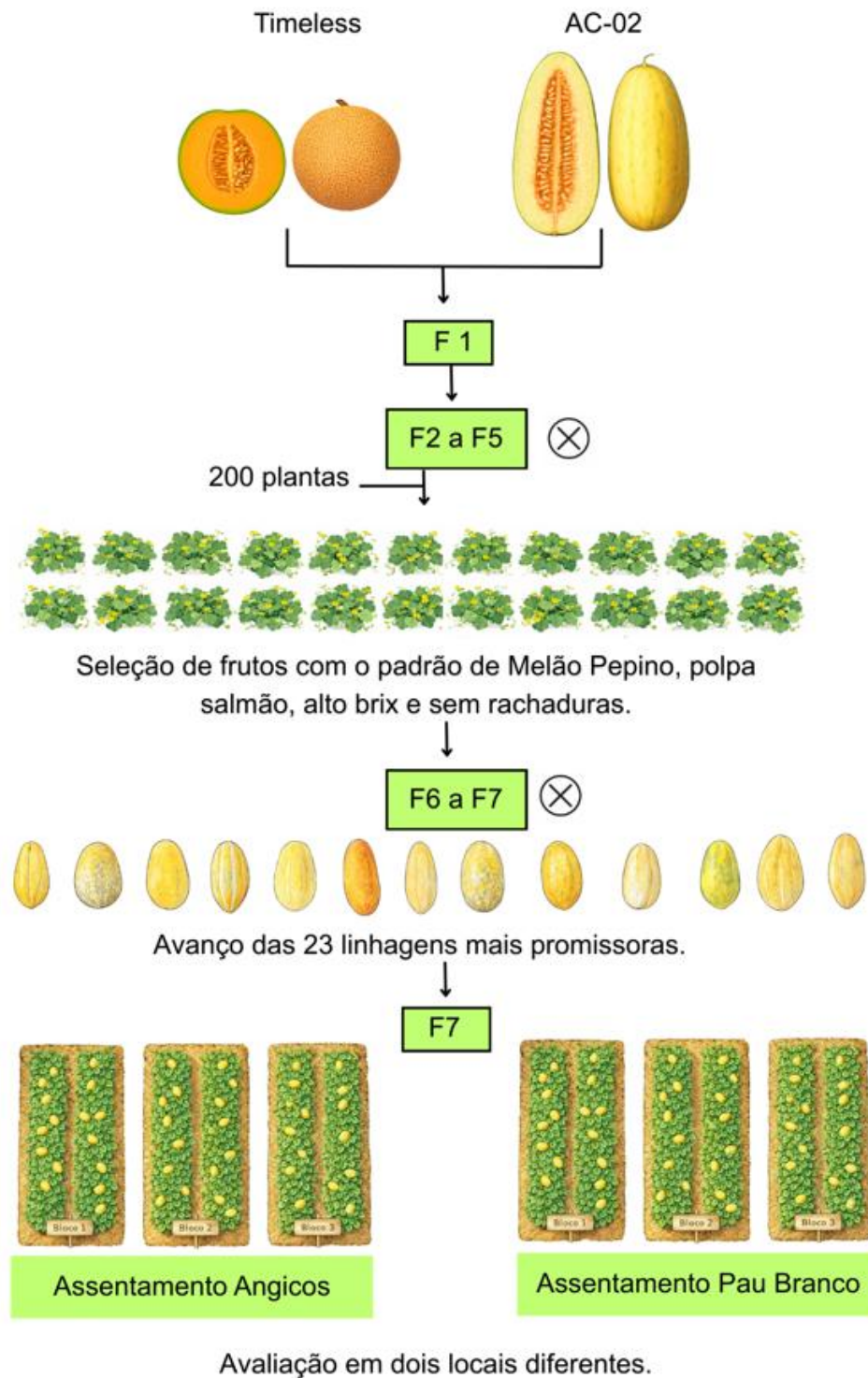


Figura 2. Fluxograma do processo de melhoramento genético do melão tipo pepino, a partir do cruzamento entre o híbrido comercial Timeless e o acesso AC-02, com avanço das gerações de F₁ a F₇, seleção fenotípica de plantas e frutos com padrão de melão pepino, polpa salmão, alto teor de sólidos solúveis e ausência de rachaduras, culminando na avaliação de 23 linhagens promissoras em dois ambientes experimentais. Fonte: Autora (2025).

3.4 CONDUÇÃO EXPERIMENTAL

O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados (DBC), com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída por dez plantas, dispostas em fileiras simples, com espaçamento de $2,0 \times 0,5$ m.

As sementes foram semeadas em bandejas rígidas de polietileno com 200 células, contendo substrato Basaplan®[®], previamente esterilizado e específico para a produção de mudas hortícolas. O substrato é composto predominantemente por casca de pinus, turfa e vermiculita, apresentando elevada porosidade, boa retenção de água e adequada aeração, características essenciais ao desenvolvimento inicial do sistema radicular. A germinação e o desenvolvimento inicial ocorreram em ambiente protegido, sob irrigação frequente. O transplantio para o campo foi realizado aos 12 dias após a semeadura, quando as mudas apresentavam dois pares de folhas definitivas.

Cada experimento foi implantado em canteiros previamente preparados e cobertos com filme plástico de polietileno preto (*mulching*), com o objetivo de reduzir a infestação de plantas daninhas e conservar a umidade do solo. A adubação de base consistiu na aplicação de 250 kg ha^{-1} de superfosfato simples. A adubação de cobertura foi realizada via fertirrigação diária, com solução nutritiva ajustada de acordo com a demanda nutricional das plantas ao longo do ciclo fenológico.

Após o transplantio, as parcelas foram protegidas com manta de tecido não tecido (TNT), visando a reduzir o estresse inicial das mudas e a incidência de pragas. A manta foi removida no início da antese, para permitir a polinização natural. Os demais tratos culturais, incluindo condução das ramas, controle fitossanitário e irrigação, foram realizados conforme as recomendações técnicas para o cultivo comercial do meloeiro na região de Mossoró-RN (EMBRAPA, 2010).

3.5 CARACTERÍSTICAS AVALIADAS

A floração foi monitorada diariamente desde o início da emissão das primeiras flores. Considerou-se floração plena quando 50% das plantas da parcela apresentavam flores abertas, correspondendo a cinco plantas. Um dia antes da colheita, procedeu-se à contagem do número de frutos por planta, sendo posteriormente calculada a média por parcela (dez plantas).

As avaliações agronômicas foram realizadas aos 60 dias após o transplantio, período

correspondente à colheita comercial dos frutos. Em cada parcela experimental, foram colhidos aleatoriamente cinco frutos para a avaliação das características morfoagronômicas e qualitativas.

O peso médio do fruto (kg) foi obtido por meio da média aritmética dos frutos amostrados. O índice de formato foi determinado pela razão entre o comprimento longitudinal e o diâmetro transversal ($IF = CL/DT$), mensurados com régua milimetrada. A espessura da polpa (cm) foi medida com régua milimetrada, em dois pontos simétricos do fruto após corte longitudinal. A firmeza da polpa foi avaliada com penetrômetro manual, realizando-se duas leituras em regiões distintas da polpa, sendo os resultados expressos em kgf cm^{-2} . O teor de sólidos solúveis totais ($^{\circ}\text{Brix}$) foi determinado por refratometria, utilizando-se refratômetro digital portátil.

3.6 DETERMINAÇÃO DO TEOR DE β -CAROTENO

A quantificação do β -caroteno foi realizada em três frutos por genótipo, colhidos no mesmo estágio de maturação. A análise seguiu a metodologia proposta por Nagata e Yamashita (1992), baseada em leituras espectrofotométricas nos comprimentos de onda de 663, 645, 505 e 453 nm. A concentração de β -caroteno ($\text{mg } 100 \text{ mL}^{-1}$) foi estimada pela equação: $\beta\text{-caroteno} = 0,216A_{663} - 1,22A_{645} - 0,304A_{505} + 0,452A_{453}$.

3.7 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

Os dados foram analisados por meio de modelos lineares mistos, considerando genótipos e a interação genótipo $\times$ ambiente como efeitos aleatórios, e ambientes e blocos como efeitos fixos. O modelo estatístico adotado foi o modelo linear misto. Os componentes de variância foram estimados via REML e os valores genotípicos preditos por BLUP (Resende, 2002).

Para a seleção simultânea de múltiplas características, foram utilizados os índices FAI-BLUP (Rocha *et al.*, 2018) e MGIDI (Olivoto; Nardino, 2020), ambos calculados a partir dos valores genotípicos preditos via BLUP. Inicialmente, os dados foram padronizados (média zero e variância unitária) a fim de eliminar efeitos de escala entre as variáveis. Em seguida, procedeu-se à análise fatorial, baseada na matriz de correlação, visando à redução da dimensionalidade e à identificação de grupos de caracteres correlacionados. O número de fatores retidos foi definido com base no critério de autovalores superiores a 1 (critério de

Kaiser). Após a rotação fatorial (método Varimax), foram obtidos os escores fatoriais de cada genótipo.

No índice FAI-BLUP, os escores fatoriais foram utilizados para calcular a distância entre cada genótipo e um ideótipo previamente definido, considerando a direção desejável para cada caráter. No índice MGIDI, a distância euclidiana entre o escore fatorial de cada genótipo e o escore do ideótipo foi utilizada como critério de classificação, sendo considerados superiores os genótipos com menores valores do índice.

Adicionalmente, realizou-se análise de componentes principais (PCA) com base na matriz de correlação dos valores genotípicos preditos, visando a explorar a estrutura multivariada dos dados e identificar a contribuição relativa de cada caráter para a variabilidade total. Foram retidos os componentes principais com autovalores superiores a 1 e analisadas as cargas fatoriais associadas a cada variável.

Todas as análises foram conduzidas no *software* R, versão 4.3.1.

4 RESULTADOS

4.1 EFEITOS DE GENÓTIPO E DA INTERAÇÃO GENÓTIPO $\times$ AMBIENTE (TESTE LRT)

O teste da razão de verossimilhança (LRT) sugeriu efeito significativo de genótipo para as características peso médio do fruto (PMF), número de frutos por planta (NFP), índice de formato (IF), espessura da polpa (EP), firmeza da polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS) e carotenoides (CAR), evidenciando a existência de variabilidade genética entre as linhagens avaliadas (Tabela 1). Para a característica floração parcial (FLOP), o efeito genotípico não foi significativo.

Tabela 1. Deviance associadas ao teste da razão de verossimilhança (LRT) para os efeitos de genótipo (G) e da interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ A), estimadas por modelos mistos

Efeito	Variáveis – Valores de p do teste LRT							
	FLOP	NFP	IF	EP	FP	SS	CAR	PMF
Genótipo	0,00 ^{n.s}	12,00 ^{**}	8,00 ^{**}	8,69 ^{**}	51,02 ^{**}	10,29 ^{**}	10,29 ^{**}	9,20 ^{**}
G $\times$ A	3,60 ^{**}	0,00 ^{n.s}	75,66 ^{**}	27,08 ^{**}	3,21 ^{**}	114,04 ^{**}	0,15 ^{**}	85,08 ^{**}

(REML/BLUP) para características agrônômicas em linhagens de melão Pepino.

Fonte: Autora (2025). LRT: Teste de máxima verossimilhança. Valores seguidos de ** indicam significância a 1% de probabilidade e ns indica não significância pelo teste LRT. Floração parcial (FLOP), número de frutos por planta (NFP), índice de formato (IF), espessura de polpa (EP), firmeza de polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS) e carotenoides (CAR), peso médio de fruto (PMF).

Quanto à interação genótipo $\times$ ambiente (G $\times$ A), foram encontrados efeitos significativos para PMF, IF, EP, FP, SS, CAR e FLOP, indicando comportamento diferencial das linhagens em função do ambiente de avaliação. Por outro lado, não foi observada interação significativa para NFP, sugerindo maior estabilidade dessas características entre os ambientes avaliados.

A ocorrência da interação G $\times$ A por parte dos caracteres indica que o desempenho relativo dos genótipos pode variar conforme o ambiente, devendo esse aspecto ser considerado no processo seletivo, especialmente para caracteres de interesse produtivo e de qualidade.

4.2 ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERES PRODUTIVOS E DE QUALIDADE

Com base nas estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e estatísticos obtidos pelo modelo REML/BLUP (Tabela 2), observou-se que a variância fenotípica (V_{FEN}) foi de 0,060 (NFP) a 18,02 (FLOP), com maiores valores observados para firmeza de polpa (FP = 0,932), teor de sólidos solúveis (SS = 1,691) e floração parcial (FLOP = 18,02). Para peso médio do fruto (PMF), índice de formato (IF) e espessura de polpa (EP), os valores de V_{FEN} foram intermediários, correspondendo a 0,139, 0,131 e 0,163, respectivamente.

Tabela 2. Estimativas de parâmetros genéticos e estatísticos estimados para oito características produtivas de linhagens de Melão Pepino, com base em modelos mistos (REML/BLUP).

Parâmetro	Variáveis							
	FLOP	NFP	IF	EP	FP	SS	CAR	PMF
V_{FEN}	18,02	0,060	0,131	0,163	0,932	1,691	0,610	0,139
V_G	$1,064 \times 10^{-14}$	0,021	0,064	0,075	0,816	0,958	0,209	0,074
V_{GA}	2,968	0,000	0,052	0,047	0,023	0,630	0,017	0,053
V_E	1,505	0,039	0,015	0,041	0,093	0,103	0,385	0,013
h^2	$5,903 \times 10^{-16}$	0,352	0,492	0,458	0,876	0,566	0,342	0,529
C_{GA}	$2,664 \times 10^{-15}$	0,765	0,695	0,711	0,024	0,742	0,743	0,721
As	$5,162 \times 10^{-8}$	0,875	0,834	0,843	0,984	0,862	0,862	0,849
rge	0,164	0,000	0,773	0,534	0,196	0,859	0,041	0,799
R^2_{GA}	0,165	0,000	0,393	0,289	0,024	0,372	0,027	0,377
CV_E	10,40	7,471	6,515	7,893	16,43	6,225	25,16	12,06

Fonte: A autora (2025). Variância fenotípica (V_{FEN}), variância genética (V_G), variância da interação genótipo $\times$ ambiente (V_{GA}), variância residual (V_E), herdabilidade média dos genótipos entre ambientes (h^2), coeficiente da interação genótipo $\times$ ambiente (C_{GA}), acurácia seletiva (As), correlação genética entre ambientes (r), coeficientes de variação (CV_E). Peso médio de fruto (PMF), número de frutos por planta (NFP), produtividade (PROD), índice de formato (IF), espessura de polpa (EP), firmeza de polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS), carotenoides (CAR) e floração parcial (FLOP).

A variância genética (V_G) apresentou maior magnitude para firmeza de polpa (FP = 0,816) e teor de sólidos solúveis (SS = 0,958), evidenciando maior contribuição genética para essas características. Em contraste, floração parcial (FLOP) apresentou valor extremamente

reduzido ($1,064 \times 10^{-14}$), sugerindo predominância de efeitos ambientais. Para peso médio do fruto (PMF) e espessura de polpa (EP), os valores de V_G foram 0,074 e 0,075, respectivamente.

As estimativas de variância genética aditiva (V_{GA}) variaram de 0,000 (NFP) a 2,968 (FLOP), com maiores valores observados para teor de sólidos solúveis (SS = 0,630) e firmeza de polpa (FP = 0,023). O valor nulo observado para número de frutos por planta (NFP) indica ausência de variabilidade genética aditiva detectável para esse caráter.

A herdabilidade média dos genótipos entre ambientes (h^2) apresentou valores elevados para firmeza de polpa (0,876), teor de sólidos solúveis (0,566) e peso médio do fruto (0,529), indicando elevada eficiência potencial de seleção. Valores moderados de herdabilidade foram observados para índice de formato (0,492) e espessura de polpa (0,458). Em contraste, floração parcial (FLOP) apresentou valor de herdabilidade praticamente nulo ($5,903 \times 10^{-16}$), evidenciando forte influência ambiental.

O coeficiente de interação genótipo $\times$ ambiente (C_{GA}) foi elevado para a maioria das características, com valores de 0,721 (PMF), 0,765 (NFP), 0,695 (IF), 0,711 (EP), 0,742 (SS) e 0,743 (CAR), indicando expressiva contribuição da interação $G \times A$. Em contraste, firmeza de polpa (FP) apresentou baixo valor de C_{GA} (0,024), sugerindo maior estabilidade fenotípica entre ambientes.

A acurácia seletiva (As) foi alta para quase todas as características, variando de 0,834 (IF) a 0,984 (FP), com valores de 0,849 (PMF), 0,875 (NFP), 0,843 (EP), 0,862 (SS) e 0,862 (CAR), o que demonstra elevada confiabilidade das predições genéticas. Para floração parcial (FLOP), a acurácia foi extremamente baixa ($5,162 \times 10^{-8}$).

A correlação genética entre ambientes (r_{ge}) apresentou valores elevados para PMF (0,799), IF (0,773), EP (0,534) e SS (0,859), indicando manutenção do desempenho relativo dos genótipos entre ambientes. Em contrapartida, NFP apresentou correlação genética nula (0,000), e CAR apresentou valor reduzido (0,041), sugerindo forte alteração na expressão genética entre ambientes.

Os valores do coeficiente de determinação dos efeitos genéticos aditivos (R^2_{GA}) variaram de 0,000 (NFP) a 0,393 (IF), com valores moderados para PMF (0,377), IF (0,393), EP (0,289) e SS (0,372), indicando contribuição relevante dos efeitos aditivos na expressão fenotípica dessas características.

O coeficiente de variação experimental (CV_E) apresentou valores entre 6,225% (SS) e 25,16% (CAR).

4.3 ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS DOS CARACTERES PRODUTIVOS

Os autovalores, a porcentagem de variância explicada e a variância acumulada associadas aos componentes principais, obtidos a partir da análise de componentes principais (PCA) dos caracteres produtivos avaliados em linhagens de melão pepino, estão apresentados na Tabela 3.

Tabela 3. Autovalores, porcentagem de variância explicada e variância acumulada associada a cada componente principal (PC), obtidos a partir da análise multivariada dos caracteres produtivos avaliados em linhagens de Melão Pepino. São apresentados os oito componentes

PC	Autovalores	Variância (%)	Variância Acumulada (%)
PC1	2,36	29,5	29,5
PC2	1,89	23,6	53,1
PC3	1,32	16,4	69,5
PC4	1,03	12,9	82,4
PC5	0,71	8,89	91,3
PC6	0,40	4,98	96,3
PC7	0,20	2,55	98,8
PC8	0,09	1,16	100,0

principais (PC1 a PC8) e sua contribuição para a explicação da variabilidade total dos dados.

Fonte: A autora (2025).

Observou-se que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) apresentaram autovalores superiores a 1, explicando conjuntamente 53,1% da variância total dos dados. O primeiro componente principal (PC1) explicou 29,5% da variabilidade total, ao passo que o segundo componente (PC2) contribuiu com 23,6%.

A inclusão do terceiro e do quarto componentes principais elevou a variância acumulada para 69,5% e 82,4%, respectivamente. A partir do quinto componente principal (PC5), as contribuições individuais para a explicação da variância foram inferiores a 10%.

Considerando os quatro primeiros componentes principais, foi possível explicar 82,4% da variabilidade total dos caracteres avaliados, indicando que esses componentes concentram a maior parte da informação contida no conjunto de dados original.

4.4 ANÁLISE FATORIAL DOS CARACTERES AGRONÔMICOS COM BASE NOS VALORES PREDITOS (BLUPS)

A análise fatorial, baseada nos valores genotípicos preditos (BLUPs), permitiu identificar a estrutura de associação genética entre os caracteres agronômicos avaliados. A utilização dos BLUPs possibilitou que as correlações observadas refletissem predominantemente a variabilidade genética, minimizando a influência ambiental.

Com base nas cargas fatoriais obtidas na análise fatorial exploratória (Tabela 4), observaram-se cargas elevadas e bem definidas para alguns caracteres, indicando forte associação destes a fatores específicos. O Fator 1 (FA1) apresentou cargas de elevada magnitude para IF (0,92) e SS (-0,91), evidenciando que esses caracteres foram determinantes na composição do fator e apresentaram comportamento antagônico. Esse resultado indica que genótipos com maiores valores para IF tendem a apresentar menores valores para SS, caracterizando uma relação inversa entre esses caracteres no conjunto avaliado.

Tabela 4. Cargas fatoriais rotacionadas para os quatro fatores principais (FA1 a FA4), communalidades e unicidades estimadas para os caracteres agronômicos avaliados em linhagens de Melão Pepino, com base na análise fatorial aplicada aos valores preditos (BLUPs).

Caráter	FA1	FA2	FA3	FA4	Comunalidade	Unicidade
PMF	0,29	-0,91	0,00	0,08	0,92	0,08
NFP	0,02	-0,17	-0,14	0,85	0,77	0,23
IF	0,92	-0,03	-0,04	0,10	0,85	0,15
EP	-0,46	-0,80	0,05	0,09	0,86	0,14
FP	-0,09	-0,57	-0,14	-0,60	0,71	0,29
SS	-0,91	-0,08	-0,16	0,03	0,86	0,14
CAR	0,08	-0,13	-0,87	0,19	0,81	0,19
FLOP	0,46	-0,23	0,71	0,19	0,81	0,19

Fonte: A autora (2025). Peso médio de fruto (PMF), número de frutos por planta (NFP), índice de formato (IF), espessura de polpa (EP), firmeza de polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS) e carotenoides (CAR), floração parcial (FLOP).

O FA2 apresentou cargas negativas expressivas para PMF (-0,91) e EP (-0,80), sugerindo que esse fator está fortemente relacionado a variações nesses dois caracteres, os quais contribuem de forma semelhante e inversa para a estrutura do fator.

Por sua vez, FA3 destacou-se pelas altas cargas associadas a CAR (-0,87) e FLOP (0,71), demonstrando que esse fator explica uma parcela importante da variação relacionada a esses caracteres, também em direções contrárias.

De modo geral, as altas cargas fatoriais observadas indicam que os fatores extraídos conseguiram capturar consistentemente a estrutura de correlação entre os caracteres avaliados, permitindo identificar grupos de características com forte contribuição conjunta para a variabilidade fenotípica das linhagens de melão pepino com base nos valores preditos (BLUPs).

4.5 SELEÇÃO DE LINHAGENS COM BASE NO ÍNDICE MGIDI

A seleção simultânea das linhagens de melão pepino foi realizada por meio do índice MGIDI, considerando os valores genotípicos preditos (BLUPs) dos caracteres produtivos, morfológicos e de qualidade avaliados. Os valores observados e esperados para cada caráter, bem como as diferenças de seleção e os ganhos percentuais previstos, estão apresentados na Tabela 5.

Tabela 5. Valores observados (X_o) e esperados (X_s) para os caracteres agrônômicos em linhagens de Melão Pepino, associados aos fatores extraídos pela análise fatorial no método MGIDI. São apresentadas as diferenças de seleção (SD) e o ganho percentual previsto (SD%).

Caráter	Fator	X_o	X_s	SD	SD(%)
PMF	FA1	1,89	2,01	0,128	6,81
NFP	FA1	5,15	5,03	-0,120	-2,34
IF	FA1	0,95	1,28	0,327	34,3
EP	FA2	2,56	2,72	0,151	5,87
FP	FA2	2,47	2,52	0,058	2,35
SS	FA3	37,3	37,3	0,000	0,00
CAR	FA3	2,64	2,71	0,074	2,79
FLOP	FA4	1,85	2,66	0,806	43,5

Fonte: A autora (2025). Peso médio de fruto (PMF), número de frutos por planta (NFP), índice de formato (IF), espessura de polpa (EP), firmeza de polpa (FP), teor de sólidos solúveis (SS) e carotenoides (CAR), floração parcial (FLOP).

O índice de formato (IF), vinculado ao FA1, também apresentou destaque, com $SD = 0,327$ e ganho percentual de 34,3%, demonstrando expressiva resposta à seleção e reforçando a relevância desse caráter na discriminação das linhagens avaliadas.

Dentre os caracteres associados ao FA2, a espessura de polpa (EP) apresentou ganho positivo moderado ($SD = 0,151$; $SD\% = 5,87\%$), superando a firmeza de polpa (FP), que exibiu resposta mais discreta ($SD = 0,058$; $SD\% = 2,35\%$).

Para os caracteres vinculados ao FA3, os ganhos de seleção foram baixos ou inexistentes, com destaque para sólidos solúveis (SS), sem diferença entre valores observados e esperados ($SD = 0,00$; $SD\% = 0,00$), indicando ausência de resposta à seleção nesse conjunto de dados.

O maior ganho percentual previsto foi observado para floração parcial (FLOP), associada ao FA4, com $SD = 0,806$ e $SD\% = 43,5\%$, indicando elevada eficiência da seleção para esse caráter e forte contribuição do fator relacionado à capacidade produtiva.

De forma geral, os maiores ganhos previstos concentram-se nos caracteres FLOP e IF, evidenciando que os fatores FA4 e FA1 são os principais responsáveis pelas respostas mais expressivas à seleção, ao passo que os demais fatores contribuíram de forma secundária.

A representação gráfica do índice MGIDI, por meio do gráfico em espiral, permitiu visualizar a contribuição relativa de cada fator para a distância dos genótipos em relação ao ideótipo, bem como identificar as linhagens selecionadas com base no menor valor do índice (Figura 3). Observa-se que as linhagens selecionadas apresentam menor distância ao ideótipo, indicando desempenho mais equilibrado considerando simultaneamente os diferentes grupos de caracteres avaliados.

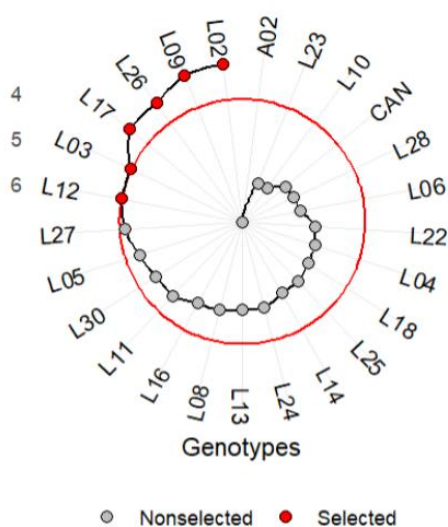


Figura 3. Gráfico em espiral mostrando as linhagens de melão pepino selecionadas. Fonte: A autora (2025).

O aspecto visual dos frutos das linhagens selecionadas pelo índice MGIDI é apresentado na Figura 3, evidenciando padrão fenotípico compatível com os objetivos do programa de melhoramento, especialmente quanto ao formato e à uniformidade dos frutos. As imagens complementam os resultados quantitativos obtidos pelo índice, permitindo a visualização das características morfológicas associadas às linhagens selecionadas.



Figura 4. Variabilidade fenotípica de frutos de linhagens promissoras de melão tipo pepino selecionadas por meio do índice MGIDI. Fonte: Autora (2025).

5 DISCUSSÃO

5.1 VARIABILIDADE GENÉTICA, INTERAÇÃO GENÓTIPO $\times$ AMBIENTE E PARÂMETROS GENÉTICOS

A significância do efeito de genótipo para a maioria das características avaliadas, incluindo-se PMF, NFP, IF, EP, FP, SS e CAR (Tabela 1), evidencia a existência de variabilidade genética expressiva entre as linhagens de melão pepino, condição fundamental para o progresso de programas de melhoramento genético. Resultados semelhantes foram reportados por Costa *et al.* (2019), que, ao avaliarem acessos brasileiros de *Cucumis melo* com base em caracteres morfoagronômicos de frutos, observaram efeito genotípico significativo para atributos produtivos e de qualidade, confirmando ampla variabilidade genética e elevado potencial de seleção em populações avançadas.

A ausência de efeito genotípico significativo para floração parcial (FLOP) sugere forte influência ambiental sobre esse caráter, fato corroborado pelos valores praticamente nulos de variância genética e herdabilidade estimados. Em *Cucumis melo*, caracteres fenológicos frequentemente apresentam menor controle genético e alta sensibilidade às condições edafoclimáticas, como temperatura, fotoperíodo e resposta reprodutiva entre genótipos, conforme observado em estudos recentes sobre características florais e biologia reprodutiva de acessões de melão (Sanabria-Verón *et al.* 2025). Esse padrão reforça que a eficiência da seleção direta para caracteres fenológicos tende a ser limitada quando comparada à de caracteres estruturais e de qualidade.

A interação genótipo $\times$ ambiente ($G \times A$) significativa para PMF, IF, EP, FP, SS e CAR (Tabela 1) indica comportamento diferencial das linhagens em função do ambiente de avaliação, reforçando a necessidade de considerar essa interação no processo seletivo. A ocorrência de $G \times A$ é comum em caracteres relacionados à qualidade de frutos, especialmente sólidos solúveis e firmeza, que respondem intensamente às variações ambientais (Costa *et al.*, 2018; Nunes *et al.*, 2020). Por outro lado, a ausência de interação significativa para NFP sugere maior estabilidade fenotípica desse caráter, o que pode favorecer sua seleção direta.

As estimativas de herdabilidade média entre ambientes confirmam esse cenário (Tabela 2). Valores elevados de herdabilidade para firmeza de polpa (0,876), sólidos solúveis (0,566) e peso médio do fruto (0,529) indicam alta eficiência potencial de seleção, uma vez que grande parte da variação observada nesses caracteres é de origem genética. Resultados

semelhantes foram observados por Oliveira *et al.* (2019) e Nunes *et al.* (2011), que relataram herdabilidades elevadas para caracteres de qualidade em melão, reforçando o potencial de ganhos genéticos consistentes. A magnitude dessas estimativas sugere que a seleção pode ser baseada no desempenho fenotípico, com altas chances de sucesso na transmissão dessas características às gerações seguintes (Falconer; Mackay, 1996).

Em contraste, a herdabilidade praticamente nula para floração parcial confirma a baixa resposta esperada à seleção direta, sugerindo que estratégias alternativas, como avaliação em ambientes específicos ou uso de caracteres correlacionados, podem ser mais adequadas. Esse comportamento já foi descrito em trabalhos com hortaliças de frutos, nos quais caracteres fenológicos apresentaram predominância de variância ambiental (Resende; Duarte, 2007).

Os elevados valores de acurácia seletiva observados para a maioria das características ($As > 0,80$) (Tabela 2) indicam alta confiabilidade das predições genotípicas obtidas via BLUP, assegurando robustez às inferências realizadas. Segundo Resende (2002), acurácias superiores a 0,70 são indicativas de experimentos bem conduzidos, com elevado poder discriminatório entre genótipos.

5.2 RELAÇÕES ENTRE CARACTERES PRODUTIVOS E DE QUALIDADE

A análise de componentes principais revelou que os quatro primeiros componentes explicaram 82,4% da variância total (Tabela 3), indicando que a maior parte da informação contida no conjunto de dados pôde ser adequadamente descrita por um conjunto reduzido de componentes principais. Esse padrão é amplamente relatado em estudos com cucurbitáceas, nos quais poucos componentes são suficientes para descrever a complexa relação entre caracteres produtivos e de qualidade (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Resende *et al.*, 2014).

A análise fatorial aprofundou essa interpretação ao evidenciar relações antagônicas entre caracteres-chave (Tabela 4), especialmente no FA1, marcado por cargas opostas e elevadas para índice de formato (IF) e sólidos solúveis (SS). Esse resultado indica que frutos mais alongados tendem a apresentar menor teor de sólidos solúveis, caracterizando um *trade-off* clássico entre conformação do fruto e qualidade interna. Relações semelhantes foram reportadas por Gomes *et al.* (2017) e Oliveira *et al.* (2020), que destacam a dificuldade de combinar simultaneamente formato desejável e alto teor de açúcares em melão.

O FA2, fortemente associado ao peso médio do fruto e à espessura de polpa, reflete um eixo produtivo-estrutural, no qual frutos mais pesados tendem a apresentar polpa mais espessa. Essa associação é desejável do ponto de vista comercial e industrial, sendo

amplamente explorada em programas de melhoramento de melão e pepino (Silva *et al.*, 2018; Costa, 2019).

O FA3, associado principalmente aos carotenoides (CAR) e à floração parcial (FLOP), evidencia a existência de um eixo fenológico-reprodutivo, pouco relacionado diretamente à produtividade e à qualidade do fruto. Esse isolamento multivariado ajuda a explicar os baixos ganhos de seleção observados para esses caracteres nos índices multivariados, uma vez que apresentam menor associação aos principais eixos de interesse agrônomo.

De forma geral, a PCA e a análise fatorial demonstram que os caracteres avaliados não variam de forma independente, mas estão organizados em conjuntos funcionais, reforçando a importância de abordagens multivariadas, que consideram simultaneamente múltiplos caracteres correlacionados e evitam respostas indesejáveis frequentemente associadas à seleção univariada, baseada na avaliação isolada de um único caráter.

5.3 SELEÇÃO DE LINHAGENS SUPERIORES POR ÍNDICES MULTIVARIADOS

A aplicação do índice MGIDI permitiu integrar simultaneamente produtividade, qualidade e arquitetura do fruto, resultando em uma seleção mais equilibrada e biologicamente coerente (Tabela 5). Os maiores ganhos previstos concentraram-se nos caracteres índice de formato (IF) e floração parcial (FLOP), associados aos fatores FA1 e FA4, respectivamente.

O elevado ganho observado para IF (34,3%) confirma o alto poder discriminatório desse caráter, já evidenciado pelas análises multivariadas. Em programas de melhoramento de melão tipo pepino, o formato do fruto é um dos principais critérios de aceitação comercial, sendo frequentemente priorizado em etapas avançadas de seleção (SILVA *et al.*, 2018). Essa característica é fundamental para a padronização em embalagens e para o atendimento às exigências dos consumidores de nicho, que buscam frutos de conformação uniforme.

Apesar do elevado ganho percentual previsto para floração parcial, esse resultado deve ser interpretado com cautela, considerando a baixa herdabilidade e a elevada influência ambiental desse caráter. Ainda assim, sua inclusão no índice contribui para uma seleção mais abrangente e equilibrada, evitando respostas negativas indiretas, conforme discutido por Olivoto e Nardino (2020). Essa abordagem multivariada permite que o melhorista selecione genótipos que apresentem um conjunto harmônico de caracteres, compensando deficiências individuais por meio de um escore agregado (Rocha *et al.*, 2018; Peixoto *et al.*, 2021).

Os ganhos moderados para espessura e firmeza de polpa evidenciam possibilidade de avanço genético sem prejuízo à qualidade, ao passo que a ausência de ganho para sólidos solúveis reflete o antagonismo previamente identificado na análise fatorial. Esse comportamento reforça a vantagem dos índices multivariados, que permitem equilibrar ganhos e perdas, em vez de maximizar isoladamente um único caráter (Rocha *et al.*, 2018).

O gráfico em espiral do MGIDI, aliado ao agrupamento visual das linhagens selecionadas e às imagens dos frutos, evidencia que as linhagens escolhidas apresentam padrão fenotípico coerente com os objetivos do programa, combinando formato adequado, qualidade interna satisfatória e desempenho produtivo consistente. Resultados semelhantes foram relatados por Santos *et al.* (2021) e Oliveira *et al.* (2022), que destacam o MGIDI como ferramenta robusta para a seleção de genótipos superiores em hortaliças, por permitir uma interpretação intuitiva dos pontos fortes e fracos de cada genótipo em relação ao ideótipo estabelecido.

Do ponto de vista aplicado, os resultados obtidos contribuem para a consolidação do melão tipo pepino como alternativa viável para sistemas produtivos do semiárido, agregando qualidade e estabilidade ao material genético tradicionalmente rústico.

6 CONCLUSÕES

Conclui-se que há variabilidade genética suficiente nas linhagens avaliadas para obtenção de genótipos superiores, com potencial para uso em programas de melhoramento visando à obtenção de frutos sem rachaduras, maior qualidade física e incremento no teor de β -caroteno, contribuindo para agregação de valor nutricional e comercial ao melão tipo pepino.

As linhagens L2, L3, L9, L12, L17 e L26 apresentam desempenho superior aos critérios de seleção, sendo consideradas promissoras para uso em programas de melhoramento genético e para etapas subsequentes de validação agrônômica, visando ao desenvolvimento de cultivares adaptadas, produtivas e com qualidade de fruto compatível com as exigências do mercado.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of plant breeding**. 2. ed. New York: John Wiley & Sons, 1999.
- AL-MULLA, Y. A. *et al.* Physical, chemical and physiological factors associated with fruit cracking in greenhouse-grown melons. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, Helsinki, v. 9, n. 2, p. 331-337, 2011.
- ALVARES, C. A. *et al.* Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, Stuttgart, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2013.
- AMORIM, C. C. *et al.* Variabilidade genética de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro, com base em marcadores moleculares. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 38, n. 3, e-567, 2016.
- ARAGÃO, F. A. S. *et al.* Genetic divergence among melon accessions based on morphological and fruit quality traits. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 44, n. 4, p. 848-856, 2013.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 3. ed. Woodbury: Stemma Press, 2020.
- BOUIS, H. E.; SALTZMAN, A. Improving nutrition through biofortification: a review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. **Global Food Security**, Amsterdam, v. 12, p. 49–58, 2017.
- BRASIL. Ministério da Saúde. **Programa Nacional de Suplementação de Vitamina A: manual de condutas gerais**. Brasília: Ministério da Saúde, 2013.
- BUAINAIN, A. M.; GARCIA, J. R.; VIEIRA FILHO, J. E. R. **O papel da agricultura familiar no desenvolvimento brasileiro**. Brasília, DF: IPEA, 2014.
- BURGER, Y. *et al.* Genetic diversity of *Cucumis melo*. In: **Genetics and Genomics of Cucurbitaceae**. New York: Springer, 2009. p. 165-198.
- BURGER, Y. *et al.* The genetic basis of components contributing to melon fruit quality. **Horticultural Reviews**, Hoboken, v. 36, p. 387-416, 2010.
- CASTRO, J. M. **Caracterização morfológica e divergência genética em acessos de meloeiro**. 2015. 50 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2015.
- COSTA, G. G. S. *et al.* Genetic parameters and selection strategies in melon. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 510–518, 2018.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012.

DANTAS, A.C.A. Caracterização morfológica e molecular de acessos de melão coletados no Nordeste brasileiro. 2011. 64 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia: Melhoramento Genético de Plantas) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2011.

DANTAS, J. L. P. *et al.* Diversidade genética de acessos de meloeiro coletados no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 10, n. 4, p. 531-537, 2015.

DHILLON, N. P. S. *et al.* Diversity among mainland Southern Vietnam melon landraces reveals genetic fingerprints of historical agriculture. **Genetical Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 59, n. 7, p. 1529-1544, 2012.

EMBRAPA. **Melão**: produção, colheita e pós-colheita. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2025. Disponível em: <https://www.embrapa.br>. Acesso em: 10 jan. 2026.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). **Sistema de produção do melão**. Brasília, DF: Embrapa, 2010. Disponível em: <https://www.embrapa.br>. Acesso em: 14 nov. 2025.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. Essex: Longman, 1996.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. **FAOSTAT: Crops and livestock products**. Rome, 2023. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/>. Acesso em: 17 mar. 2025.

FERREIRA, M. A. J. F. *et al.* Resistência de acessos de meloeiro do grupo Momordica à murcha de fusário. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 4, p. 431-436, 2015.

FERREIRA, M. A. J. F. *et al.* Variabilidade genética em acessos de melão para teores de carotenoides totais. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 3, p. 336-342, 2016.

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura**: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3. ed. Viçosa: UFV, 2013.

FONTES, P. C. R.; PUIATTI, M. **Olericultura**: teoria e prática. 2. ed. Viçosa: UFV, 2021.

GARRUTI, D. S. *et al.* Volatile profile and sensory quality of new varieties of Casaba-type melons. **Food Chemistry**, v. 141, n. 4, p. 4304-4313, 2013.

GOMES, L. P. *et al.* Divergência genética e importância de caracteres em acessos de meloeiro. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 2, p. 372-381, 2020.

GOMES, L. P. *et al.* Divergência genética entre acessos de meloeiro do grupo *Inodorus*. **Scientia Plena**, Aracaju, v. 13, n. 4, p. 1-10, 2017.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, Austin, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção Agrícola Municipal**: culturas temporárias e permanentes. Rio de Janeiro: IBGE, 2024. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/>. Acesso em: 26 ago. 2025.

JOLLIFFE, I. T. **Principal component analysis**. 2. ed. New York: Springer, 2002.

KIRKBRIDE JÚNIOR, J. H. **Biosystematic monograph of the genus *Cucumis* (Cucurbitaceae)**. Boone: Parkway Publishers, 1993.

LESTER, G. E.; EISCHEN, F. Beta-carotene content of postharvest orange-fleshed muskmelon fruit: effect of a honey bee pollen substitute diet. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 121, n. 6, p. 1102-1106, 1996.

LESTER, G. E.; SHEWFELT, R. L. **Postharvest handling: a systems approach**. San Diego: Academic Press, 1999.

LI, Z. *et al.* Physiological and genetic regulation of fruit cracking. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 188, p. 117-125, 2015.

LOUREIRO, F. L. C. *et al.* Multi-trait selection and genetic progress in tiger melon (*Cucumis melo* L.) lines. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 26, n. 1, e54212616, 2026.

LOUREIRO, F. L. C. **Índices de seleção multivariados aplicados ao melhoramento genético do meloeiro**. 2024. 59 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2024.

MELO, D. M. *et al.* Interação genótipo × ambiente em melão. **Bragantia**, Campinas, v. 76, n. 4, p. 519-528, 2017.

MONFORTE, A. J. *et al.* Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 108, n. 4, p. 750-758, 2004.

MOREIRA, C. F. *et al.* Genetic parameters and selection of melon lines for fruit quality and carotenoid content. **Journal of Agricultural Science**, v. 13, n. 5, p. 88-97, 2021.

NAUDIN, C. Essais d'une monographie des espèces et des variedades du genre *Cucumis*. **Annales des Sciences Naturelles – Botanique**, Paris, v. 11, p. 5-87, 1859.

NUNES, G. H. S. *et al.* Genotype x environment interaction for yield and quality traits in melon. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 1, p. 115-124, 2020.

NUNES, G. H. S. *et al.* Parâmetros genéticos em meloeiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 2, p. 213-220, 2011.

NUNES, G. H. S. *et al.* Divergência genética entre linhagens de melão pele de sapo. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, p. 765-773, 2011.

OLIVEIRA, J.M. **Resistência de genótipos de meloeiro à mosca-minadora, *Liriomyza sativae* (Diptera: Agromyzidae)**. 2017. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2017.

OLIVEIRA, R. S. *et al.* Avanços na taxonomia e sistemática de *Cucumis melo* L.: uma revisão integrativa. **Revista Brasileira de Botânica**, São Paulo, v. 48, n. 1, p. 12-25, 2025.

OLIVEIRA, R. S. *et al.* Genetic parameters and selection strategies in melon. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 3, p. 213-220, 2020.

OLIVEIRA, R. S. *et al.* Multi-trait selection in melon families using the MGIDI index. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 40, n. 2, p. 175-181, 2022.

OLIVOTO, T.; NARDINO, M. MGIDI: A powerful tool to identify high-performing and multiple-trait-stable genotypes. **Scientific Reports**, London, v. 10, n. 1, p. 1-14, 2020.

PARIS, H. S.; STAUB, J. E. Genetics and breeding of melon. **Plant Breeding Reviews**, New York, v. 37, p. 303-345, 2013.

PEIXOTO, A. R. *et al.* Selection indices in the screening of melon genotypes for yield and fruit quality. **Postharvest Biology and Technology**, Amsterdam, v. 175, p. 111-120, 2021.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.

PITRAT, M. Melon. In: PROHENS, J.; NUEZ, F. (ed.). **Vegetables I: Asteraceae, Brassicaceae, Chenopodiaceae, and Cucurbitaceae**. New York: Springer, 2008. p. 283-315.

SANABRIA-VERÓN, N.C. *et al.* Características florais e biologia reprodutiva em cultivares brasileiras de melão (*Cucumis melo* L.). **Plants**, v. 14, n. 19, p. 3047, 2024. DOI: 10.3390/plants14193047.

RESENDE, M. D. V. *et al.* **Estatística multivariada aplicada ao melhoramento de plantas**. Viçosa: Suprema, 2014.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística aplicada ao melhoramento de plantas perenes**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2002.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em ensaios de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RICARTE, L. W. M. **Caracterização e divergência genética de acessos de meloeiro do grupo *momordica***. 2016. Nº de folas. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2016.

ROBINSON, R. W.; DECKER-WALTERS, D. S. **Cucurbits**. New York: CAB International, 1997.

ROCHA, A. J. *et al.* Genetic parameters and gain from selection in melon population. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 13, n. 2, p. 1-8, 2018.

ROCHA, J. R. A. S. C. *et al.* Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**, Oxford, v. 10, n. 1, p. 52-63, 2018.

SAKATA SEED SUDAMÉRICA. **Catálogo de produtos**: Melão Timeless Gold. Bragança Paulista: Sakata, 2023. Disponível em: <https://www.sakata.com.br>. Acesso em: 10 jan. 2026.

SANTOS, L. S. *et al.* Selection of superior melon genotypes by multi-trait index. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 34, n. 4, p. 815-824, 2021.

SANTOS, R. L. *et al.* Fruit cracking and quality traits in melon. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 3, p. 389–398, 2023.

SAURE, M. C. Why calcium deficiency is not the cause of blossom-end rot in tomato and pepper fruit. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 174, p. 151–154, 2014.

SEBASTIAN, P. *et al.* *Cucumis* (Cucurbitaceae) listed and settled: the taxonomy and phylogeny of guinea melons and a new classification of the genus. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 107, n. 32, p. 14269-14273, 2010.

SILVA, A. C. *et al.* Biofortification of melon: a review of the current status and future perspectives. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 26, n. 1, p. 45-53, 2022.

SILVA, A. C. *et al.* Seleção de linhagens de meloeiro para caracteres de produção e qualidade de fruto. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 13, n. 3, p. 1-7, 2018.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, London, v. 7, p. 240–250, 1936.

SMITH, J. *et al.* Performance of commercial melon hybrids under semi-arid conditions. **Journal of Applied Horticulture**, Lucknow, v. 23, n. 1, p. 45-52, 2021.

TUAN, P. A. *et al.* Carotenoid accumulation and regulation in melon fruit. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, v. 67, n. 12, p. 3366–3377, 2019.

TZURI, G. *et al.* A dilated network of genes reveals the genetic basis of beta-carotene and lycopene content in melon fruit. **Food Chemistry**, Amsterdam, v. 173, p. 131–137, 2015.

VALADARES, R. N. *et al.* Caracterização morfoagronômica de acessos de melão do grupo momordica. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 39, n. 5, e-499, 2017.

YUSTE-LISBONA, F. J. *et al.* Genetic analysis of resistance to powdery mildew caused by *Podosphaera xanthii* in melon. **Plant Breeding**, v. 130, n. 4, p. 444-450, 2011.